簡化綠豆種原形態結構多樣性之研究[1]

陳 述[2] 陳 成[3] 范明仁[4] 鄒篪生[5]

摘要：本研究之主要目的爲針對一具有全球代表性的綠豆種原，就其形態性狀的多樣性結構進行簡化。本研究共計評估了5,363份種原，所評估之形態性狀包括15個「測度性狀」與6個「等級性狀」，共計21個性狀。爲簡化形態性狀多樣性結構所進行之多變數統計分析包括主成分分析、主成分因子分析及最大可能率因子分析。經由主成分分析與主成分因子分析結果，由第1至第6成分（因子）的累加變異解釋量僅達62%，顯示這兩種方法均無法達成只以少數獨立綜合指標簡化此綠豆種原形態性狀多樣性結構的預期目標，因此進行後續種原分群的策略之一爲：以包含全部21個形態性狀之原始數據結構直接進行分群分析。另經由最大可能率因子分析求得函數解之方式，可將形態性狀多樣性結構化簡至只以前3個因子即可代表92%之累積變異解釋量，因此進行後續種原分群的策略之二爲：以最大可能率因子分析所得之前3個因子或以因子載荷量較大的重要性狀進行分群分析。

關鍵詞：綠豆、種原、形態性狀、遺傳多樣性、多變數分析。

前 言

保存種原的主要目的即在於維持遺傳多樣性，以提供作爲育種的遺傳變異來源。而針對整個種原收集之遺傳多樣性結構的瞭解，不但可協助育種學家們有效率地篩選出所需的育種材料，亦可提供種原管理者作爲制定後續引種或種原採集計畫之參考，甚可作爲篩選種原以形成種原核心收集(core collection)[10]的參考依據。

針對所收集的種原進行詳盡的外部形態性狀調查評估，是瞭解與利用種原遺傳多樣性的首要步驟。調查評估的項目可能涵括了分類性狀、農藝性狀（如：植株營養性狀、結莢性狀、種子性狀等），以及抗耐逆境或特殊化學物質成分含量等諸多特性。然而，「多」而詳盡的性狀調查評估，再加上性狀間彼此所可能存在的「相關性」，不但相對的模糊了我們對於整個種原保存所具有之遺傳多樣性狀況的瞭解程度，也使得後續進行種原分群，以及篩選育種材料的過程變得十分困難。因此，嘗試如何將一大堆有相關的調查性狀轉換成「少數」且「無相關（獨立）」的變數，以簡化遺傳多樣性結構的觀測系統，便成爲了一個必須要考慮的過程。

多變數統計分析方法中的「主成分分析」（principal component analysis）與「因子分析」（factor

---

1. 行政院農業委員會農業試驗所　研究報告第2010號。
2. 本所作物種原室助理暨台灣大學農藝學研究所博士班研究生。台灣省　台中縣　霧峰鄉。
3. 台灣大學農藝系教授。 台北市。
4. 本所作物種原室研究員兼主任。 台灣省　台中縣　霧峰鄉。
5. 亞洲蔬菜研究發展中心主任。 台灣省　台南縣　善化鎮。

analysis)，便是經常被利用於簡化數據觀測結構的兩種方法。這兩種方法都是採取降維的方式，以嘗試找出少數幾個「綜合指標」來代表原來眾多的變數（性狀），並使這些綜合指標能儘可能地反映原來變數的信息量，而且彼此之間互不相關。至於這兩種方法的差別則在於：經由主成分分析所求得的綜合指標（即主成分）是原觀測變數的線性組合；而經由因子分析所求得的綜合指標則是一群新「因子」的線性組合，這些因子事實上又是由原觀測變數經線性組合而成，其所代表的意義爲嘗試能找出原始變數之間未知、假設或抽象的隱藏性關係或結構。因此，因子分析是由變數與變數之間的共變方(covariance)爲基礎所導證出的方法，而且通常伴隨著因子座標的空間旋轉過程，目的在於找出合理的因子詮釋意義；而主成分分析則是以個別變數之變方(variance)爲基礎所導證出的方法，且並不須要空間旋轉的過程[1,2,4,5,13]。雖然主成分分析與因子分析的分析過程，以及所求得之「綜合指標」的意義有所不同，但均可達到簡化遺傳多樣性結構觀測系統之目的。

在種原遺傳多樣性分析的相關研究方面，應用主成分或因子分析，除可進一步瞭解各性狀間複雜的關係及簡化性狀多樣性結構之外，還可利用經分析所得的綜合指標(主成分或因子)，針對育種材料進行分群，以作爲種原分類、選拔育種材料、以及探討種原變異來源等之參考。Hillig與Iezzoni[11]曾針對16個櫻桃種原，利用形態性狀經主成分分析所得的前3個主成分，將種原進行分群歸類，以提供作爲選拔育種材料之參考。Stalker[19]針對花生屬種原進行了56項形態性狀調查及主成分分析後發現，種原變異的主要來源是葉的大小與形狀，其次爲分枝型態與花的大小。Souza與Sorrells[18]則是針對70個北美燕麥種原進行了13項數量性狀調查及主成分分析後發現，抽穗期是種原變異的最主要來源。Singh等人[17]針對來自於拉丁美洲之306栽培種菜豆地方種原的遺傳多樣性結構進行瞭解時發現，利用形態性狀經主成分分析後所得的前2個成分，可將種原明顯區分爲安地斯山脈群(Andean group)與中美群(Mesoamerican group)。Perez-Gonzales[14]就生長在墨西哥中部的15個杏種原進行了20項形態性狀調查，企圖瞭解這些種原的遺傳變異以作爲育種利用之參考，經主成分分析後發現，由所得之前4個主成分即可代表該種原85%的變異。Robert與Sarr[15]則是利用主成分分析法針對珍珠栗種原的多樣性結構進行簡化，並據此進行後續的種原分群分析。Jana與Singh[12]曾針對小藜豆種原進行了11項數量性狀的調查及主成分分析，由所得的前2個主成分，即可將7個來自於不同地理來源的種原作明顯的區分。Stanton 等人[20]則針對美國國家植物種原系統 (National Plant Germplasm System; NPGS)所保存的400份A-genome棉花(即*Gossypium arboreum* L.與*G. herbaceum* L.)種原進行了53項的性狀調查及主成分分析，由所得的前2個主成分，便可成功地區分出*G. arboreum*與*G. herbaceum*這兩個種。Fernandez等人[8]針對山茱萸種原之遺傳多樣性進行瞭解，由外形性狀之主成分分析結果顯示，葉與花的形態性狀即可解釋83.3%的種原變異，且發現各不同地理來源之種原的花芽大小與花串數會隨著緯度由北向南遞減。Rouamba等人[16]係針對西非的14個洋蔥地方品種進行數量性狀的主成分分析以求得新的獨立綜合指標，並進行後續的分群分析，目的在嘗試建立西非洋蔥種原的核心收集。Fernando等人[9]亦曾針對來自於歐洲的20個黑麥草種原族群，就數量性狀調查及同功異構酵素多型性分析的結果進行主成分分析，以嘗試了解種原的遺傳多樣性結構。

綠豆（*Vigna radiata*（L.）Wilczek）屬豆科一年生作物，亞洲蔬菜研究發展中心（以下簡稱亞蔬中心）曾由世界各地的綠豆栽植地區蒐集了許多種原，以增加綠豆種原的遺傳多樣性，並成爲國際植物遺傳資源研究所（IPGRI）及育種學家們所公認之「具有全球代表性」的綠豆種原收集[7]。鑑於以往探討綠豆種原收集之報告係多僅就自身單位或國家所保存的少數綠豆種原爲研究對象，而進行之多樣性分析亦多止於簡單的敘述統計；因此，本研究之主要目的在以此具有全球代表性的綠豆種原收集爲研究對象，繼對該綠豆種原收集形態性狀遺傳多樣性之地理分布進行初探之研究報告[3]之後，再嘗試針對形態性狀的多樣性結構進行簡化，以作爲提供育種學家們瞭解種原變異來源、選擇育種材料、以及

後續進行種原分群以篩選種原形成種原核心收集的重要參考基礎。

材料與方法

本研究係以亞蔬中心所保存的5,657份綠豆種原中有來源國家記錄之5,363份種原參與統計分析[3]。本研究之形態性狀評估調查係於亞蔬試驗農場進行，原共計調查了31個形態性狀，其中15個性狀爲直接記錄實測尺度之絕對數値的「測度性狀」；另16個性狀則是先畫分等級或類別，調查結果係記錄所屬等級或類別的代碼[3]。而其中有部份關於描述顏色、形狀或形態等特徵的性狀，包括胚莖色、葉形、葉柄基色、花序位置、花萼色、成熟莢色、莢絨毛色、種皮色、種皮光澤（油綠shiny，粉綠dull）、以及種皮花紋等10個性狀，是屬於記錄類別代碼的性狀，由於此種「類別數據」的資料不適於納入本研究所須進行之多變數統計分析中，因此實際參與本研究的形態性狀僅包括15個「測度性狀」與6個「等級性狀」，共計有21個性狀（表1）。

表 1. 參與多變數分析的綠豆種原之21個外表形態性狀及其定義

Table 1. Definitions of 21 morphological traits included in the multivariate analysis

Code	Characteristic definition
C2	Primary leaf length (cm) the average of ten leaves
C3	Primary leaf width (cm) the average of ten leaves
C5	Growth habit 1=Erect 2=Semi-erect 3=Spreading
C6	Lodging 1=None 2=Slight 3=Moderate 4=Severe 5=Very severe
C7	Plant height (cm) at flowering in spring the average of ten plants
C8	Plant height (cm) at flowering in fall the average of ten plants
C9	Plant height (cm) at maturation in spring the average of ten plants
C10	Plant height (cm) at maturation in fall the average of ten plants
C13	Leaf pubescence density 0=None 1=Few 2=Moderate 3=Many
C14	Leaf pubescence length 1=Short 2=Medium 3=Long
C15	Days to flowering (50% of plants) in spring
C16	Days to flowering (50% of plants) in fall
C18	Number of flower clusters per plant the average of ten plants
C22	Number of pods per plant the average of ten plants
C23	Pod length (cm) the average of ten plants
C25	Pod pubescence density 1=Few 2=Moderate 3=Many
C27	Pod pubescence length 1=Short 2=Medium 3=Long
C28	Days to maturation (50% of plants) in spring
C29	Days to maturation (50% of plants) in fall
C30	Seeds per pod in spring the average of ten pods
C31	Seeds per pod in fall the average of ten pods

本研究為簡化形態結構多樣性所進行之多變數統計分析包括主成分分析、主成分因子分析（principal component factor analysis）及最大可能率因子分析（maximum likelihood factor analysis）。由於各種原性狀調查的測量單位與所測得之數值變域皆不盡相同，因此進行分析時係以相關係數矩陣（correlation matrix）為依據，目的在於先使資料經過標準化的程序，以避免造成變域範圍大的性狀會占有較大之數據結構解釋成分的情事發生。而有關本研究所進行之各種多變數統計分析的詳細程序如下：

1.主成分分析

以SAS（Statistical Analysis System）軟體之PRINCOMP Procedure進行分析。

2.主成分因子分析

利用SAS軟體之FACTOR Procedure，因子提煉模式採主成分法（Method=Prin），以進行因子分析。

3.最大可能率因子分析

利用SAS軟體之FACTOR Procedure，因子提煉模式採最大可能率法（Method=ML），以進行因子分析；並經變方最大旋轉（varimax rotation）以估算各性狀在各因子座標軸上的因子載荷量（factor loading）。

因子分析之繪圖部份，係以SAS軟體之FACTOR Procedure中的Score選項先求得「因子係數」後，再經SCORE Procedure的分析程序，以使「因子係數」與本研究中各種原性狀調查的原始數據資料相乘，而求得「因子得分值」（factor score），其所代表的意義即為各數據點（種原）在以各因子為軸之新座標系統上的座標值。將所得之「因子得分值」載入Excel 軟體後，再以SigmaPlot 軟體進行繪圖。

結果與討論

本研究以相關係數矩陣為依據所進行的分析，結果如表2，表中列出了進行主成分分析、主成分因子分析及最大可能率因子分析後，特性值大於1之各成分（因子）的特性值、個別變異解釋量，以及累加變異解釋量。

進行主成分分析的結果（表2）顯示，在第1到第6個成分中，除了第1與第2成分的個別變異解釋量（22%與15%）較大之外，其餘成分的個別變異解釋量都很小，所以累加變異解釋量的遞升速度也因此變得很慢，由第1至第6個成分的累加變異解釋量僅達62%。

因子分析的部分，依所採因子提煉模式之不同，可區分為主成分因子分析法及最大可能率因子分析法。經由主成分因子分析所得的結果與主成分分析的結果相同，由第1至第6個因子的累加變異解釋量亦僅達62%（表2）。至於最大可能率因子分析的部分，由第1至第4個因子的累加變異解釋量為98%，其中第1因子的個別變異解釋量即已高達51%，第2、3因子之個別變異解釋量分別為30%與11%，而第4因子的個別變異解釋量較小，僅占6%。

在進行完主成分分析或因子分析後，主成分（或因子）個數的決定，在實際應用上通常取決於以下幾個考量因素[1,2,4,5,13]：

1.通常保留累加變異解釋量達到80%或90%以上所對應的所有成分（因子）。

2.觀察各成分（因子）的個別變異解釋量變化趨勢，捨棄個別變異解釋量太小的成分（因子）。

3.保留比平均特性值（eigenvalue）大的成分（因子），若為以相關係數矩陣為依據進行主成分或因子分析時，則保留特性值大於1的成分（因子）。

綜合表2中為簡化形態性狀多樣性結構所進行之三種多變數統計分析的結果發現，經由主成分分析與主成分因子分析所得的累加變異解釋量均很低（62%），顯示這兩種方法均無法只以少數幾個「綜合

表 2. 主成分分析、主成分因子分析及最大可能率因子分析所得之各成分(或因子)的特性值與變異解釋量

Table 2. Eigenvalues and proportion of the variability explained by each component(or factor) from the principal component analysis, principal component factor analysis and maximum likelihood factor analysis

PC or (FC)	Principal Component Analysis			Principal Component Factor Analysis			Maximum Likelihood Factor Analysis		
	Eigenvalues	Proportion	Cumulative	Eigenvalues	Proportion	Cumulative	Eigenvalues	Proportion	Cumulative
1	4.61	0.22	0.22	4.61	0.22	0.22	11.51	0.51	0.51
2	3.15	0.15	0.37	3.15	0.15	0.37	6.71	0.30	0.81
3	1.59	0.08	0.45	1.59	0.08	0.45	2.50	0.11	0.92
4	1.40	0.06	0.51	1.40	0.06	0.51	1.25	0.06	0.98
5	1.27	0.06	0.57	1.27	0.06	0.57			
6	1.02	0.05	0.62	1.02	0.05	0.62			

指標」(即主成分或因子)，便反映出原本針對5,363份綠豆種原進行21個性狀調查之龐大數據結構的信息量。而產生此現象的原因主要有兩點，第一點是由於本研究用來描述綠豆種原收集的21個形態性狀彼此之間的相關程度不高所致，於是進行主成分或因子分析後所得之各成分（因子）的個別變異解釋量都很小，累加變異解釋量的遞升也隨之變慢，因此無法只用「少數幾個」獨立的主成分（或因子），便達成簡化形態結構多樣性數據觀測系統的目標。第2點則是由於本研究係針對一相當龐大的綠豆種原族群，其所涵蓋的歧異度泛廣，部分種原的遺傳組成可能已超越了孟氏族群的定義範疇，若種原遺傳變異已屬於在「非共享初級共同基因庫(not share primary common gene pool)」之情況下，性狀間會呈現複雜的相關性，此係與一般狹義之組合交配分離後裔的性狀間相關分析的闡述有別。

但特別值得注意的是龐大的種原收集在進行性狀間相關分析時，由於參試樣品之自由度較大，會使得顯著性測驗結果極易呈現顯著或極顯著的假象[3]。故筆者認爲在進行種原遺傳多樣性分析，尤其是在面對含有龐大種原數目的種原收集時，本研究過程是一個相當難得且重要的經驗！也就是在判斷各性狀間相關程度，以及決定後續的種原分群策略時，應不只是看相關性分析的結果，還要注意多變數分析化簡的過程。仔細觀察針對較大規模種原進行多樣性分析的研究報告，也發現有類似的情況[17,20]。

至於最大可能率因子分析法，係爲在假設共同因子(common factor)與特殊因子(specific factor)皆爲常態分布的情況下可建立一概似函數(likelihood function)，然後再以最大可能率估算法以求得函數解的一種因子提煉模式[1,13]。分析結果顯示（表2），利用此法只須3個因子即可達到92%的累加變異解釋量，相較於主成分因子分析的低累加變異解釋量而言，推測這是由於最大可能率因子分析法可謂是單純針對數值上求得完美函數解的分析法;但主成分因子分析法卻是以變數與變數之間的共變方爲考量基礎所導引出的分析模式。各性狀在最大可能率因子分析之前三個因子上的因子載荷量如表3，其中第1因子的個別變異解釋量爲51%（表2），以初生葉長(C2)與初生葉寬(C3)之因子載荷量較大（表3）;第2因子的個別變異解釋量爲30%（表2），以秋作成熟日數(C29)與秋作開花日數(C16)之因子載荷量較大（表3）;第3因子的個別變異解釋量爲11%（表2），以春作開花日數(C15)與春作開花株高(C7)之因子載荷量較大。故經由最大可能率因子分析法進行多樣性結構之化簡後，由各性狀在第1、2、3因子上的因子載荷量發現，在21個參試性狀中，係以初生葉之長與寬、成熟日數、開花日數及開花株高等性狀對於種原形態性狀多樣性結構的貢獻較大。本研究之綠豆種原收集於最大可能率因子分析法所得之前三個因子座標軸空間上的散佈如圖1，爲使讀者有更清晰的瞭解，將其拆解爲任兩個座標軸上之散佈如圖2；由圖1及圖2之散佈圖可看出其大致可區分爲四群，且部分群中所包含的種原數目十分多，顯示設法形成種原之核心收集，的確有其必要性及可行性，因此將在後續針對此龐大種原進行分群分析，並搭配

表 3. 各性狀在最大可能率因子分析所得之前三個旋轉因子上的因子載荷量

Table 3. The factor loadings of each trait on the first three rotated factor from maximum likelihood factor analysis

Traits	Rotated factor loadings		
	1	2	3
C2	0.86	-0.03	-0.04
C3	0.91	-0.08	-0.01
C5	0.13	-0.06	-0.13
C6	-0.16	0.34	0.02
C7	0.23	0.15	0.56
C8	0.16	0.14	0.20
C9	0.10	0.44	0.31
C10	-0.02	0.44	0.21
C13	0.18	0.01	0.08
C14	0.14	0.06	0.11
C15	0.13	0.27	0.90
C16	0.02	0.65	0.37
C18	-0.16	0.03	-0.05
C22	-0.13	0.01	0.03
C23	0.55	-0.03	0.11
C25	-0.15	-0.13	-0.10
C27	0.07	-0.03	-0.01
C28	-0.07	0.40	0.49
C29	-0.07	0.94	0.25
C30	-0.02	-0.02	-0.01
C31	0.09	0.18	0.07

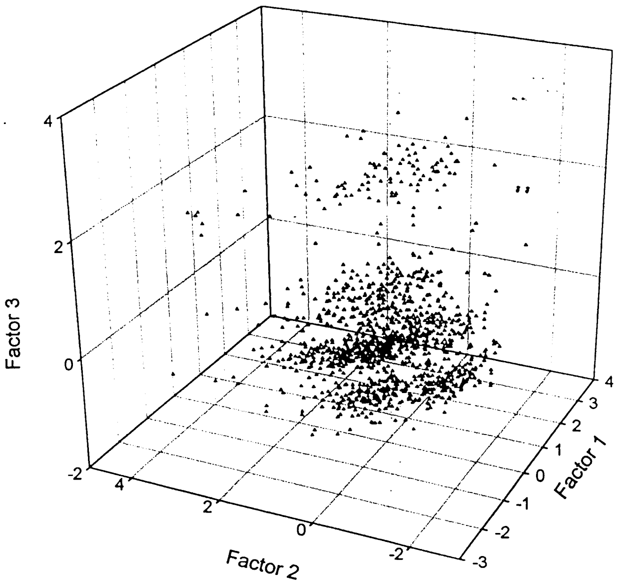

圖 1. 5,363份綠豆種原在最大可能率因子分析之前三個因子座標軸上的散佈圖。

Fig 1. Scatter diagram of 5,363 mungbean accessions on the first three factor axes of maximum likeliood factor analysis.

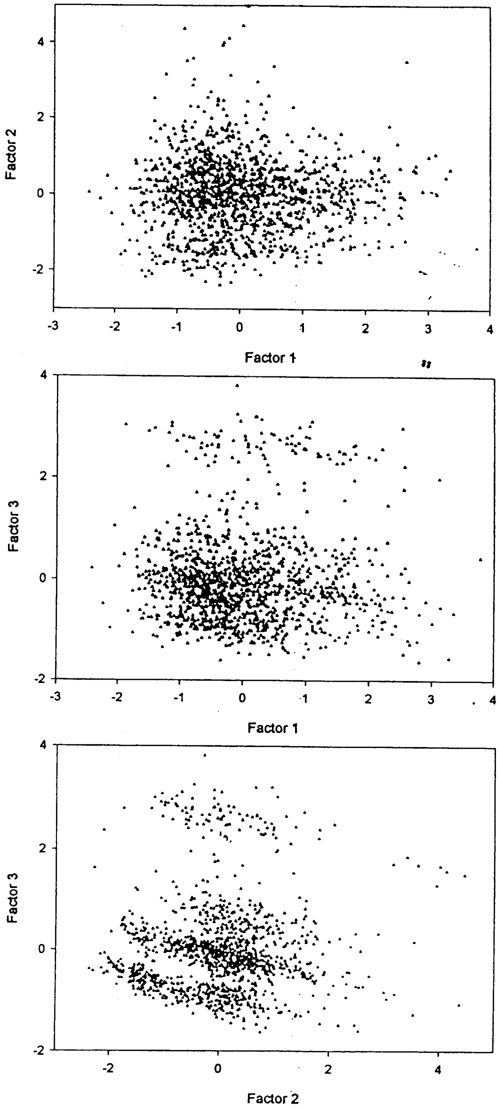

圖 2. 5,363份綠豆種原在最大可能率因子分析前三個因子之任兩個座標軸上的散佈圖。

Fig 2. Scatter diagram of 5,363 mungbean accessions on the two factor axes of the first three factor from maximum likeliood factor analysis.

並搭配地理來源之資料，以挑選種原進入核心收集。

綜合前述針對簡化綠豆種原形態性狀多樣性結構之研究分析結果，經由主成分分析與主成分因子分析後認為，無法只用少數幾個獨立的主成分（因子）來代表原包含眾多形態性狀的多樣性結構，因此認為在後續擬定種原分群策略時，將以包含全部21個外形性狀之原始數據結構直接進行分群分析（cluster analysis）。此外，至於透過最大可能率因子分析求得函數解的方法，雖可將原形態性狀多樣性結構化簡至只以3個因子便可代表92%之累加變異解釋量，但值得再深思與繼續驗證的是，這種純由數

數值上求得完美解的化簡方式是否合理與可否應用於未來的分群策略上呢?!

因此，經由本篇簡化綠豆種原形態結構多樣性之研究結果，在未來進行種原分群策略時，將嘗試同時以下列兩種方式進行分群分析[6]，以及後續篩選種原形成種原核心收集之研究：

(1) 以包含全部21個外形性狀之原始數據結構直接進行分群分析。

(2) 以最大可能率因子分析所得之前3個因子，或以因子載荷量較大的重要性狀進行分群分析。

誌　謝

本文稿承中研院植物所研究員暨台大農藝系教授鄔宏潘老師詳加斧正，並承亞蔬中心黃永光先生協助收集相關性狀調查資料，謹此致謝。

引用文獻

1.沈明來。 1998。 實用多變數分析。 九洲圖書文物有限公司。 台北市。419-500頁。

2.林清山。 1988。 多變項分析統計法。 台灣東華書局。 台北市。289-385頁。

3.陳 述、陳 成、范明仁、鄒篪生。 1998。 綠豆種原外形性狀遺傳歧異之地理分布。 中華農業研究 47：108-124。

4.彭昭英。 1995。 SAS 與統計分析。 儒林圖書有限公司。 台北市。34-35頁。

5.羅積玉。 1994。 多元統計分析方法與應用。 科技圖書股份有限公司。 台北市。100-154頁。

6.Basigalup, D.H., D.K. Barnes, and R.E. Stucker. 1995. Development of a core collection for perennial *Medicago* plant introductions. Crop Sci. 35:1163-1168.

7.David, C.S.T., Y.K. Huang, and Y.L. Chen. 1989. Germplasm catalog of mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] and other *Vigna* species. AVRDC. Press, Tainan. III pp.

8. Fernandez, A., R.E. Schutzki, and J.F. Hancock. 1996. Isozyme and morphological variation in a *Cornus florida* L. provenance plantation representing geographically diverse populations. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 121:225-230.

9.Fernando, W.M.U., M.D. Hayward, and M.J. Kearsey. 1997. Isozyme and quantitative traits polymorphisms in European provenances of perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). Euphytica 93：263-269.

10.Frankel, O.H. 1984. Genetic perspective of germplasm conservation. pp. 161-170. *In*：W.K. Arber, K. Limensee, W.J. Peacock, and P. Stalinger (eds.) Genetic manipulation：impact on man and society. Cambridge University Press, Cambridge.

11.Hillig, K.W. and A.F. Iezzoni. 1988. Multivariate analysis of a sour cherry germplasm collection. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 113：928-934.

12.Jana, S. and K.B. Singh. 1993. Evidence of geographical divergence in kabuli chickpea from germplasm evaluation data. Crop Sci. 33：626-632.

13.Johnson, R.A. and D.W. Wichern. 1992. Applied multivariate statistical analysis (third edition). Prentice-Hall Inc. Press, New Jersey.

14.Perez-Gonzales, S. 1992. Associations among morphological and phenological characters representing apricot germplasm in Central Mexico. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 117：486-490.

15.Robert, T. and A. Sarr. 1992. Multivariate analysis of recombination between wild and cultivated genomes within the primary gene pool of pearl millet (*Pennisetum typhoides*). Genome 35：208-219.

16.Rouamba, A., T. Robert, A. Sarr, and A. Ricroch. 1996. A preliminary germplasm evaluation of onion landraces from West Africa. Genome 39：1128-1132.

17.Singh, S.P., J.A. Gutierrez, A. Molina, C. Urrea, and P. Gepts. 1991. Genetic diversity in cultivated common bean:II. Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. Crop Sci. 31：23-29.

18.Souza, E. and M.E. Sorrells. 1991. Relationships among 70 North American oat germplasms: I. Cluster analysis using quantitative characters. Crop Sci. 31:599-605.

19.Stalker, H.T. 1990. A morphological appraisal of wild species in section Arachis of peanuts. Peanut Science 17:117-122.

20.Stanton, M.A., J.McD. Stewart, A.E. Percival, and J.F. Wendel. 1994. Morphological diversity and relationships in the A-genome cottons, *Gossypium arboreum* and *G. herbaceum.* Crop Sci. 34：519-527.

Structure Simplification for Morphological Diversity in a World Germplasm Collection of Mungbean (*Vigna radiata* (L.)Wilczek) [1]

Shu Chen[2], Cheng Chen[3], Ming-Jen Fan[4] and Samson C. S. Tsou[5]

Summary

The objective of this study is to simplify the structure of morphological diversity within the world collection of mungbean. In this study, total of 5,363 accessions were analyzed. Twenty-one morphological traits comprising fifteen numerical traits and six coded traits were evaluated. The multivariate analysis for structure simplification includes principal component analysis, principal component factor analysis and maximum likelihood factor analysis. The results of principal component analysis and principal component factor analysis showed the first six components (factors) only accounted for 62% of total variation. It is evident the structure of morphological diversity could not be reduced to few independent composite index with principal component analysis and principal component factor analysis. As for the result of maximum likelihood factor analysis, the first three factors could account for 92% of total variation. Therefore, the first strategy for successively clustering mungbean collection is to conduct the cluster analysis based on total 21 morphological traits. The second strategy is to conduct the cluster analysis based on 3 retained factors from maximum likelihood factor analysis or important traits with high factor loadings.

Key words：Mungbean,Germplasm,Morphological traits,Genetic diversity,Multivariate analysis.

---

1. Contribution No. 2010 from Taiwan Agricultural Research Institute, Council of Agriculture.
2. Assistant, Crop Genetic Resources Laboratory, TARI, and Graduate Student, Department of Agronomy, National Taiwan University, Taipei, ROC.
3. Professor, Department of Agronomy, National Taiwan University, Taipei, ROC.
4. Senior Agronomist and Head, Crop Genetic Resources Laboratory, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
5. Director, Asian Vegetable Research and Development Center, Shanhua, Tainan, Taiwan, ROC.